



Taxonomic Studies of Melampsora Species on Willows in China Based on Morphology and Molecular Phylogeny

著者	趙 鵬
その他のタイトル	形態と分子系統に基づく中国産ヤナギ類に寄生する Melampsora 属菌の分類学的研究
学位授与大学	筑波大学 (University of Tsukuba)
学位授与年度	2013
報告番号	12102甲第6935号
URL	http://hdl.handle.net/2241/00122515

氏名（本籍） Peng ZHAO（趙 鵬）（中国）

学位の種類 博士（農学）

学位記番号 博 甲 第 6935 号

学位授与年月日 平成26年 3月25日

学位授与の要件 学位規則第4条第1項該当

審査研究科 生命環境科学研究科

学位論文題目 Taxonomic Studies of *Melampsora* Species on Willows in China Based on Morphology
and Molecular Phylogeny

(形態と分子系統に基づく中国産ヤナギ類に寄生する*Melampsora*属菌の分類学的研究)

主査	筑波大学教授	農学博士	山岡 裕一
副査	筑波大学教授	農学博士	本田 洋
副査	筑波大学教授	農学博士	大澤 良
副査	筑波大学教授	博士（理学）	石田 健一郎

論文の要旨

ヤナギ類は、ヤナギ科 (Salicaceae) に属する高木、低木、灌木の総称で、世界で 300~500 種存在し、主として北半球に分布している。河川敷などの水辺に生育する種類その他、山地に生育する種、高山やツンドラなどの寒帯に生息する種も存在する。ヤナギ類は、街路樹、公園樹として特に水辺に植栽される他、花材、家具や工芸品の材料、薬品の原料として利用される。また、近年では、治山などの土留めを目的とした緑化資材、水質浄化、バイオマス生産など、様々な目的で利用されている。

ヤナギ類に病害を引き起こす病原菌として、さび病菌が知られている。さび病菌は担子菌類のサビキン目 (Pucciniales) に属する菌類で、世界で 7,000~8,000 種存在するとされているが、そのうち *Melampsora* 属菌がヤナギ類の葉さび病を引き起こす。さび病菌に激しく感染したヤナギ類は、早期落葉し、生育が低下、枯死に至る場合もあり、ヤナギ類を利用する上で重大な障害となっている。ヤナギ類に寄生する *Melampsora* 属菌は現在約 50 種存在するとされているが、これまでの形態分類では、分類学上最重要とされる冬孢子世代の形態が単純であることも有り、種の識別が困難な菌群とされてきた。近年、分子系統解析が進む中、形態的に識別不能と考えられてきた種、例えば *M. epitea* 内に隠蔽種の存在が明らかになるなど、分類学的な見直しが求められている。

中国は、熱帯から寒帯まで、高山帯、ステップ、砂漠など様々な気候帯、植生地域を有している。このような環境下で、ヤナギ類の多様性も極めて高く、約 260 種が分布することが知られているが、ヤナギ類に寄生する *Melampsora* 属菌も多様性が高いことが予想される。中国では、これまでヤナギ類に寄生する *Melampsora* 属菌として 25 種が報告されているが、これらの同定には、研究が行われていた時代ごとに異なる分類体系が使用されており、同じ基準で分類学的な検討をされたことがなく、分類が混乱している。

そこで、本研究では、(1) 形態的特徴と分子系統解析結果に基づきヤナギ類に寄生する *Melampsora* 属菌の分類を行い、(2) 中国に生息する *Melampsora* 属菌の種を明らかにすることを目的とした。

これまでに中国で報告のあった 25 種とその類縁種を含む *Melampsora* 属菌の標本を中国、日本、ヨーロッパ、ロシアの標本庫から借用した。これらの標本の中から、夏孢子・冬孢子の両世代を有する標

本 231 点を選び、新規形態形質を含む 23 の形態形質を測定した。形態形質を客観的に評価し分類群を作成するため、ウード法による階層的クラスター分析および一元配置分散分析による統計解析を行った。その結果、14 の形態形質に基づき 30 の形態群が検出された。形態形質の解析に用いた標本のうち 135 標本で、rDNA の 5.8S を含む ITS 領域および LSU の D1/D2 領域の塩基配列を決定することができた。両領域を組み合わせる最大節約法、最尤法、ベイズ法で解析することにより、信頼度の高い 29 のクレード (G1~G29) を検出することができた。さらに、EF-1 α の解析により、G1 に属する菌群は 2 系統群に分かれ (G1-1, G1-2)、計 30 の系統群を検出することができた。

分子系統解析で得られた 30 系統群のうち、27 系統群はそれぞれ 1 形態群と一致したが、残りの 3 系統群は形態群と 1 対 1 対応とはならなかった。形態的にも系統的にも明確に識別できた 27 菌群は、独立した種と考えた。形態的に識別できないが系統的に識別可能であった 2 菌群、系統的に識別できないが形態的に識別できた 2 菌群、今回遺伝子解析ができなかった 1 菌群の計 5 菌群については、結論は出せなかったが、現時点ではそれぞれ別種と扱うこととした。

本研究により、これまで *M. capraearum* と同定されていた集団の中に、形態的にも系統的にも識別可能な 3 つの集団が存在することを明らかにし、中国に分布する集団を新種 *M. salicis-sinicae* として記載した。残りの 2 菌群はそれぞれ日本とヨーロッパに分布する集団で別種と考えられた。また、これまで形態的に識別不可能と考えられてきた *M. epitea* complex について、識別可能な 14 分類群を検出し、それぞれ別種とすることを提案した。

本研究で認められた 32 種のうち、中国には 22 種が分布することを明らかにした。これまでに中国に分布するとされていた 25 種のうち 11 種を確認したが、残りの種は新種 3 種を含む 13 種に整理した。

本研究により、これまで分類にあまり用いられなかった形態形質、Shape factor、夏孢子表面の刺の形や刺間の距離、糸状体の構造等を加えること、ITS 領域および LSU の D1/D2 領域を組み合わせる解析することにより、形態的にも系統的にも識別可能な種と考えられる分類群を決定することができた。しかし、未だ明瞭に分けられない分類群が存在することから今回利用しなかったさび孢子世代の形態情報や他の遺伝子解析情報を加えることで、さらに明確な結果が得られると考えられる。

審 査 の 要 旨

これまで、さび病菌の分類は形態情報に基づき行われてきた。分類学者はこれまでの経験から特定の形態形質を重視し、他の形態形質の違いを無視する傾向にあった。従来の形態分類による形態種と分子系統解析の結果が一致しないという問題が様々な菌群で生じており、分類学的な再検討が求められている。本研究では、ヤナギ類上の夏孢子・冬孢子世代の乾燥標本のみを使用したが、これまでに注目されていなかった形態形質を加え、形質に主観的な重み付けをせず統計的に解析することにより形態群を識別したが、そのほとんどが分子系統解析の結果得られた系統群とほぼ一致することを明らかにした。形態分類の結果と系統解析の結果が一致しない菌類は他にも多数存在し、本研究の成果は、それらの問題解決にも大きく貢献すると評価できる。本研究は、中国に分布するさび病菌を明らかにすることを目的の一つとした研究ではあるが、ここで得られた知見は、世界に分布するさび菌の分類を進める上で重要な情報となる。また、さび病菌は、種によって、生活環、中間宿主や宿主範囲に違いがあり、この研究成果により、これまで形態的に識別が不可能と考えられていた多くの菌群を正確に同定し、また独立した種として認識できるようになった。このことは、現場での病原菌に対する認識を変え、生態的防除法の確立や伝染経路の閉鎖など、正確な防除を行うために大きく貢献をすると考えられる。

平成26年 1月23日、学位論文審査委員会において、審査委員全員出席のもとに論文の審査及び最終試験を行い、本論文について著者に説明を求め、関連事項について質疑応答を行った。その結果、審査委員全員によって合格と判定された。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものとして認める。